

Figure 1

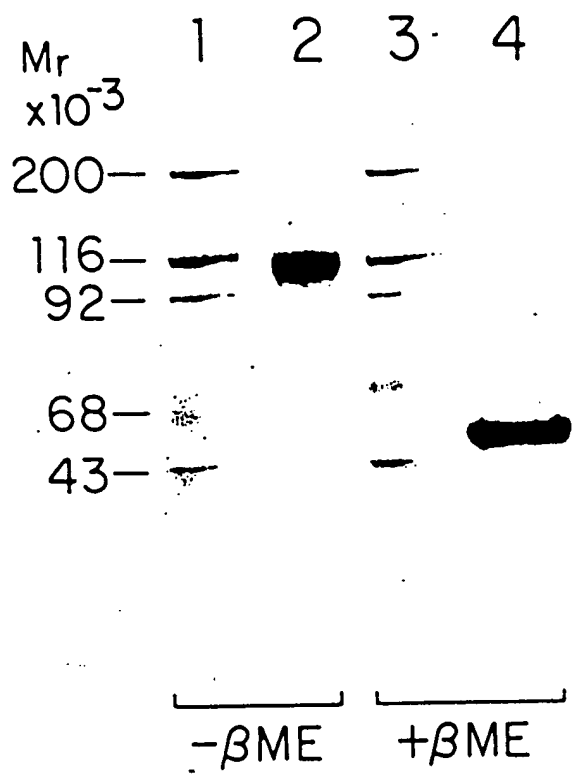


Figure 2

-26

M	G	V	L	L	T	Q	R	T	L	L	S	L	V	L	45
ATG	GGT	GTA	CTG	CTC	ACA	CAG	AGG	ACG	CTG	CTC	AGT	CTG	GTC	CTT	
A	L	L	F	P	S	M	A	S	M	A	M	H	V	A	90
GCA	CTC	CTG	TTT	CCA	AGC	ATG	GCG	AGC	ATG	GCA	ATG	CAC	GTG	GCC	
Q	P	A	V	V	L	A	S	S	R	G	I	A	S	F	135
CAG	CCT	GCT	GTG	GTA	CTG	GCC	AGC	AGC	CGA	GGC	ATC	GCC	AGC	TTT	
V	C	E	Y	A	S	P	G	K	A	T	E	V	R	V	180
GTG	TGT	GAG	TAT	GCA	TCT	CCA	GGC	AAA	GCC	ACT	GAG	GTC	CGG	GTG	
T	V	L	R	Q	A	D	S	Q	V	T	E	V	C	A	225
ACA	GTG	CTT	CGG	CAG	GCT	GAC	AGC	CAG	GTG	ACT	GAA	GTC	TGT	GCG	
A	T	Y	M	M	G	N	E	L	T	F	L	D	D	S	270
GCA	ACC	TAC	ATG	ATG	GGG	AAT	GAG	TTG	ACC	TTC	CTA	GAT	GAT	TCC	
I	C	T	G	T	S	S	G	N	Q	V	N	L	T	I	315
ATC	TGC	ACG	GGC	ACC	TCC	AGT	GGA	AAT	CAA	GTG	AAC	CTC	ACT	ATC	
Q	G	L	R	A	M	D	T	G	L	Y	I	C	K	V	360
CAA	GGA	CTG	AGG	GCC	ATG	GAC	ACG	GGA	CTC	TAC	ATC	TGC	AAG	GTG	
														GLYCOSYLATION SITE	
E	L	M	Y	P	P	P	Y	Y	L	G	I	G	N	G	405
GAG	CTC	ATG	TAC	CCA	CCG	CCA	TAC	TAC	CTG	GGC	ATA	GGC	AAC	GGA	
T	Q	I	Y	V	I	D	P	E	P	C	P	D	S	D	450
ACC	CAG	ATT	TAT	GTA	ATT	GAT	CCA	GAA	CCG	TGC	CCA	GAT	TCT	GAC	
F	L	L	W	I	L	A	A	V	S	S	G	L	F	F	495
TTC	CTC	CTC	TGG	ATC	CTT	GCA	GCA	GTT	AGT	TCG	GGG	TTG	TTT	TTT	
Y	S	F	L	L	T	A	V	S	L	S	K	M	L	K	540
TAT	AGC	TTT	CTC	CTC	ACA	GCT	GTT	TCT	TTG	AGC	AAA	ATG	CTA	AAG	
K	R	S	P	L	T	T	G	V	Y	V	K	M	P	P	585
AAA	AGA	AGC	CCT	CTT	ACA	ACA	GGG	GTC	TAT	GTG	AAA	ATG	CCC	CCA	
T	E	P	E	C	E	K	Q	F	Q	P	Y	F	I	P	630
ACA	GAG	CCA	GAA	TGT	GAA	AAG	CAA	TTT	CAG	CCT	TAT	TTT	ATT	CCC	
I	N														636
ATC	AAT														

Figure 3

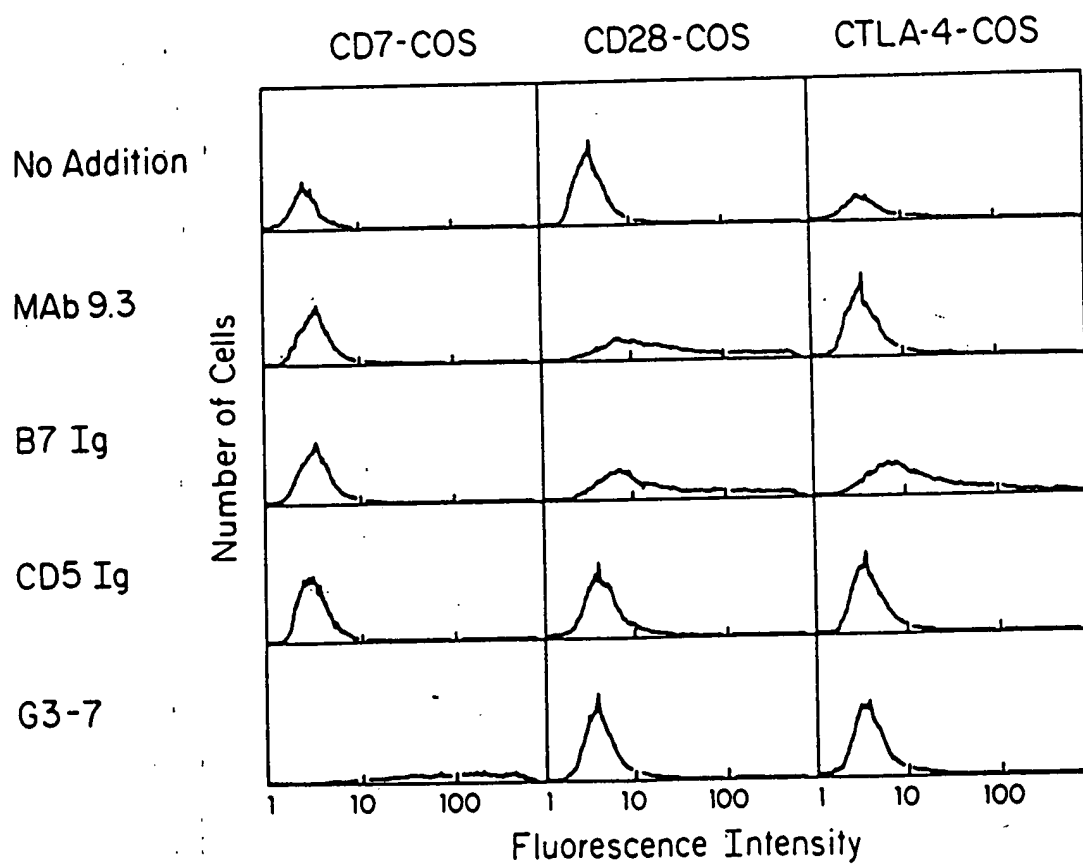


Figure 4

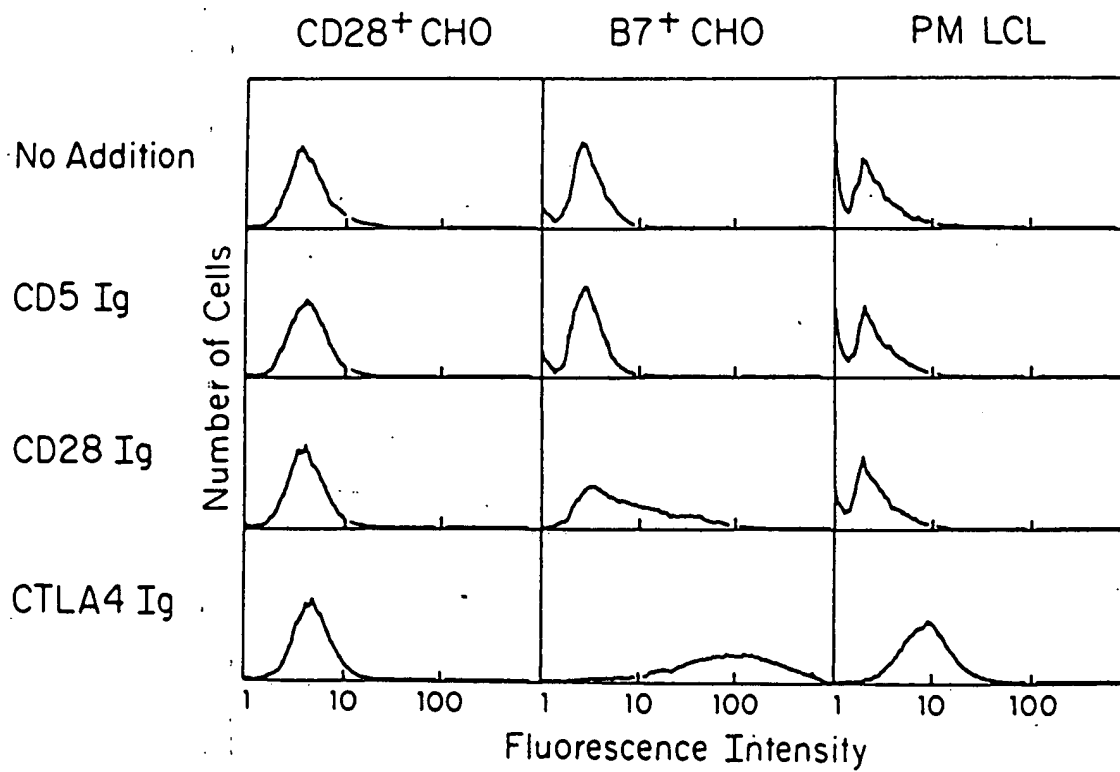


Figure 5

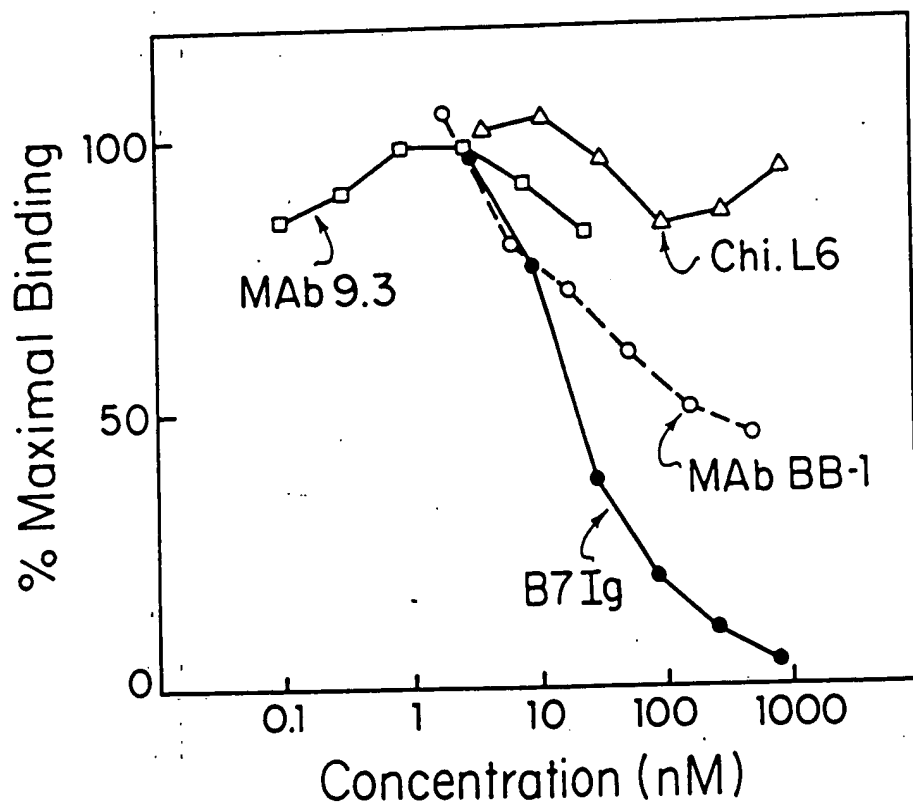


Figure 6

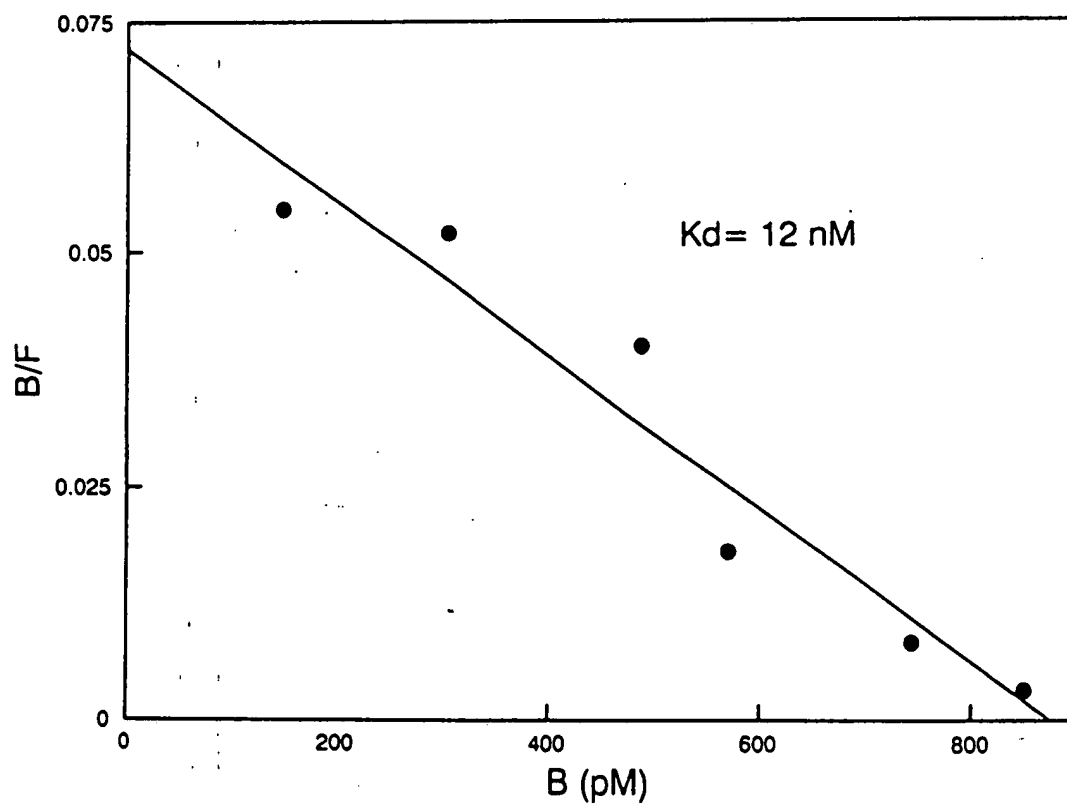


Figure 7

Western blot analysis of B7-1 expression. The blot shows a high molecular weight band (B7-1) and a lower band (beta-actin) as a loading control. Molecular weight markers (200, 116, 92, 68, 43 kDa) are indicated on the right. The lanes are grouped by cell type: B7+ CHO (CD28 Ig, CTLA4 Ig, CD5 Ig) and PM LCL (CD28 Ig, CTLA4 Ig, CD5 Ig). A third group of B7+ CHO lanes (CD28 Ig, CTLA4 Ig, CD5 Ig) is shown on the right. The B7-1 band is present in the CTLA4 Ig lanes of both B7+ CHO and PM LCL groups, and in the CD5 Ig lane of the third B7+ CHO group. The beta-actin band is present in all lanes.

Figure 8

Concentration (μg/ml)	CTLA-4Ig (% Proliferation)	CD28Ig (% Proliferation)	B7Ig (% Proliferation)
0.001	95	85	95
0.01	90	95	90
0.05	40	100	95
0.2	20	85	85
1.0	10	40	80

Figure 9

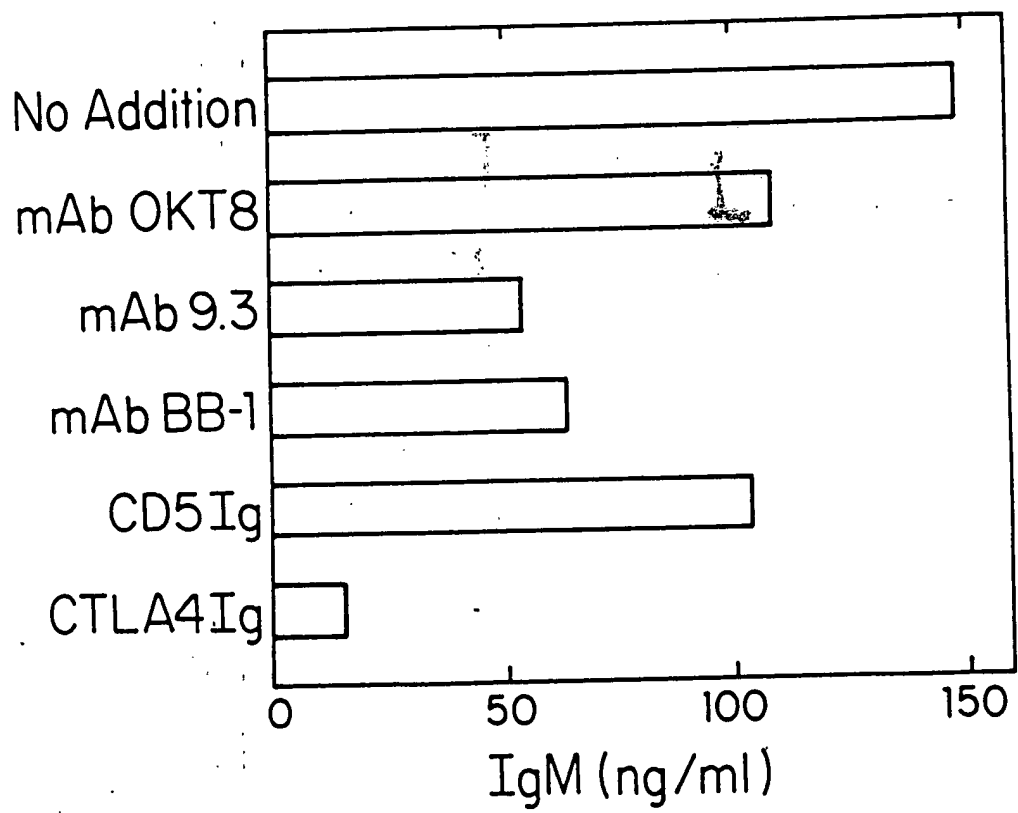


Figure 10

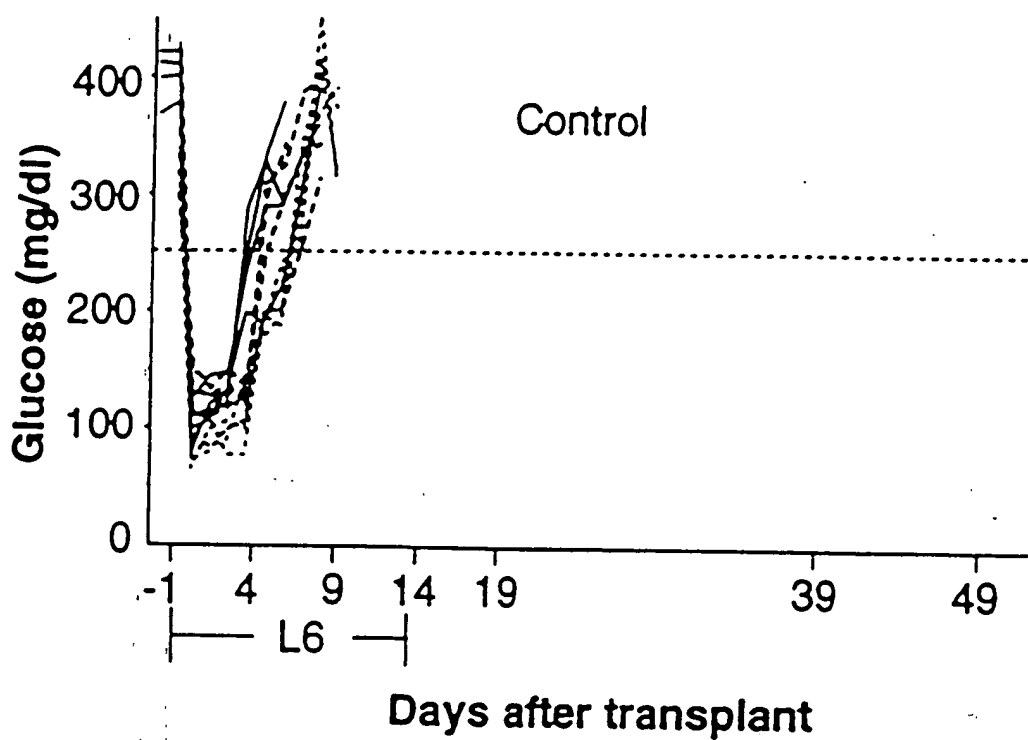


Figure 11A

Figure 11B

00000205400900

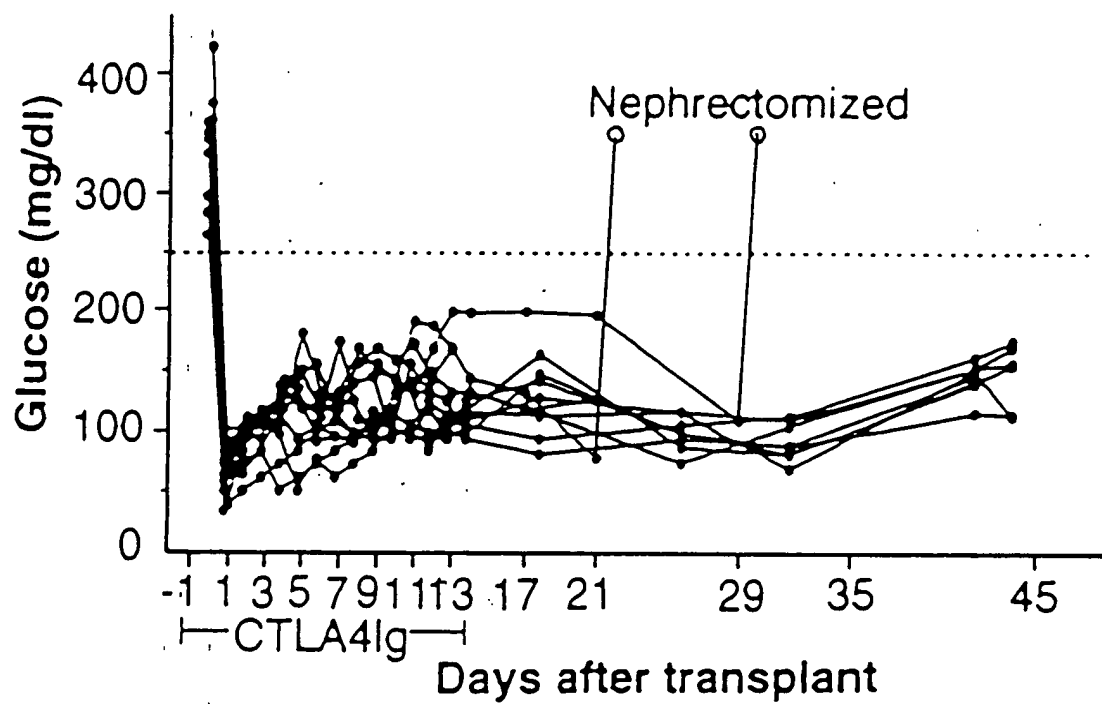


Figure 11C

Figure 1 consists of four black and white photomicrographs of choroidal tissue sections, labeled A, B, C, and D.
 Panel A shows a normal choroid with a thin, continuous layer of retinal pigment epithelium (RPE) and underlying choroidal stroma.
 Panel B shows another normal choroid with a similar thin RPE layer.
 Panel C shows a choroid with a thickened RPE layer and numerous small, pale, rounded drusen deposits.
 Panel D shows a choroid with a severely thickened RPE layer, extensive drusen, and pigment clumping, indicating advanced age-related macular degeneration.

Figure 12

Figure 13

Figure 1 is a line graph showing blood glucose levels (mg/dl) over time (Days after initial transplant) for three groups of rats. The Y-axis ranges from 0 to >450 mg/dl, with a horizontal dotted line at 250 mg/dl. The X-axis ranges from 0 to 95 days. The groups are: Nephrectomized (solid line with solid circles), Retransplanted (solid line with open circles), and Control (dotted line with open circles). All groups show a sharp peak in glucose levels around day 48, reaching values above 400 mg/dl. The Control group shows a more gradual increase and a lower peak compared to the other two groups.

Days after initial transplant	Nephrectomized (mg/dl)	Retransplanted (mg/dl)	Control (mg/dl)
0	380	350	280
13	100	100	100
42	170	170	150
44	180	180	160
46	150	150	140
48	450	450	350
50	300	300	380
52	150	150	150
54	170	170	160
57	120	120	110
61	140	140	120
69	110	110	110
82	120	120	90
90	110	110	110
95	110	110	80

Figure 14

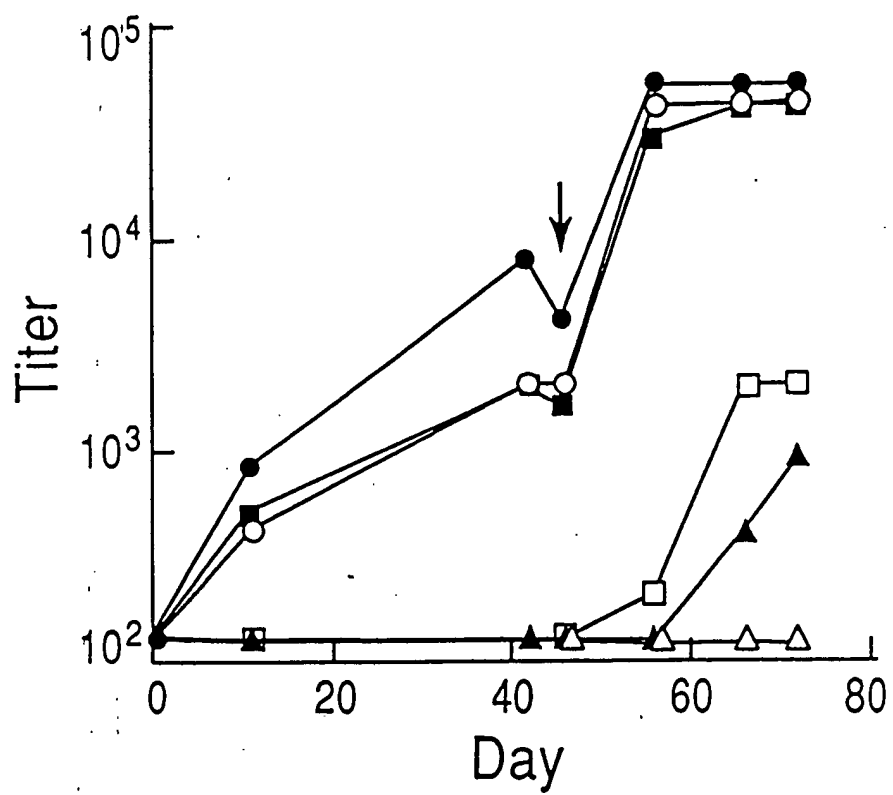


Figure 15

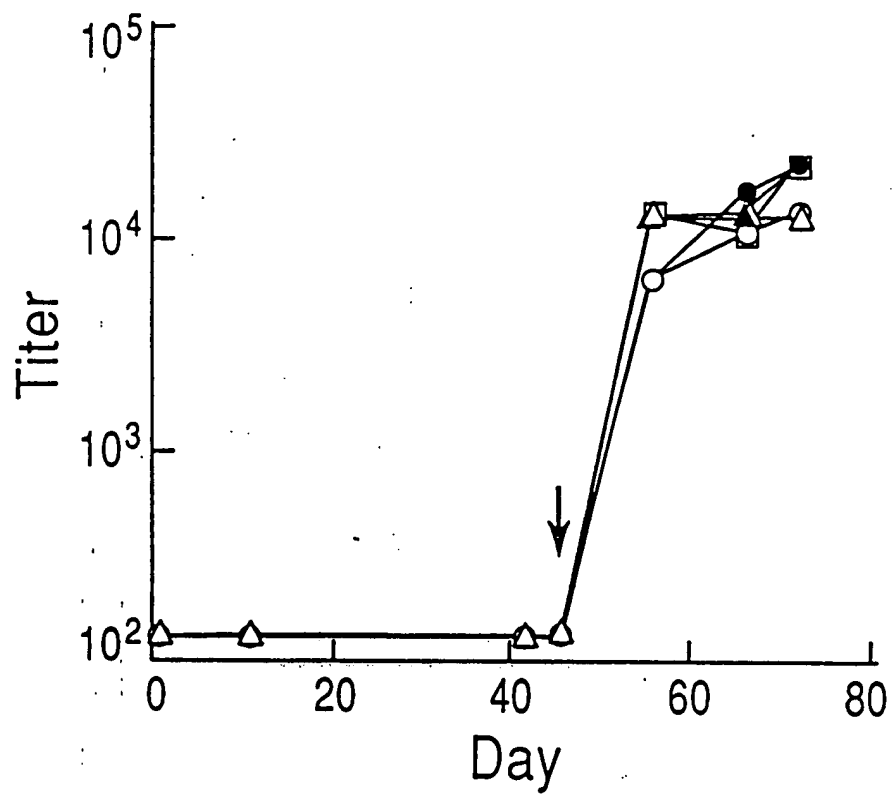


Figure 16

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319	320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330	331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341	342	343	344	345	346	347	348	349	350	351	352	353	354	355	356	357	358	359	360	361	362	363	364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374	375	376	377	378	379	380	381	382	383	384	385	386	387	388	389	390	391	392	393	394	395	396	397	398	399	400	401	402	403	404	405	406	407	408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418	419	420	421	422	423	424	425	426	427	428	429	430	431	432	433	434	435	436	437	438	439	440	441	442	443	444	445	446	447	448	449	450	451	452	453	454	455	456	457	458	459	460	461	462	463	464	465	466	467	468	469	470	471	472	473	474	475	476	477	478	479	480	481	482	483	484	485	486	487	488	489	490	491	492	493	494	495	496	497	498	499	500	501	502	503	504	505	506	507	508	509	510	511	512	513	514	515	516	517	518	519	520	521	522	523	52
--	---	---	---	---	---	---	---	---	---	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	----

	CDR 1-like										CDR 2-like																																																		
Hct14	R	G	I	A	S	F	V	G	E	V	A	S	P	G	K	A	T	D	K	A	T	Y	M	A	A	T	T	F	T	E	K	N	T	G	N	E	L	V	G	F	L	D	Y	N	S	N															
Muc14	H	G	V	V	A	S	F	P	C	C	E	R	V	S	H	N	T	L	L	A	K	K	E	V	V	A	S	P	G	K	A	T	D	K	A	T	Y	M	A	A	T	T	F	T	E	K	N	T	G	N	E	L	V	G	F	L	D	Y	N	S	N
Mcd28	N	E	V	V	A	S	L	S	C	C	R	V	S	N	L	L	A	K	K	E	V	V	A	S	P	G	K	A	T	D	K	A	T	Y	M	A	A	T	T	F	T	E	K	N	T	G	N	E	L	V	G	F	L	D	Y	N	S	N			
Rcd28	N	E	V	V	A	S	L	S	C	C	R	V	S	N	L	L	A	K	K	E	V	V	A	S	P	G	K	A	T	D	K	A	T	Y	M	A	A	T	T	F	T	E	K	N	T	G	N	E	L	V	G	F	L	D	Y	N	S	N			
Hcd28	N	E	V	V	A	S	L	S	C	C	R	V	S	N	L	L	A	K	K	E	V	V	A	S	P	G	K	A	T	D	K	A	T	Y	M	A	A	T	T	F	T	E	K	N	T	G	N	E	L	V	G	F	L	D	Y	N	S	N			
Chcd28	R	G	I	A	S	F	V	G	E	V	A	S	P	G	K	A	T	D	K	A	T	Y	M	A	A	T	T	F	T	E	K	N	T	G	N	E	L	V	G	F	L	D	Y	N	S	N															

[illegible]

	Q	I	Y	V	I	D	P	E	P	C		F	L	L	W	I	L	A	A	V	S	S	G	L	F	F	V	S	F	L	L	T	A	V	S	L	S	K	M	L	K		
cdlla4	Q	I	Y	V	I	D	P	E	P	C		F	L	L	W	I	L	A	A	V	S	S	G	L	F	F	V	S	F	L	L	T	A	V	S	L	S	K	M	L	K		
huctla4	Q	I	Y	V	I	D	P	E	P	C		F	L	L	W	I	L	V	A	V	S	S	G	L	F	F	V	S	F	L	L	T	A	V	S	L	S	K	M	L	K		
hcd28	I	I	H	I	K	E	K	H	L	C	H	T	K	L	F	W	A	L	V	V	V	A	G	V	L	F	C	V	Q	L	L	V	T	V	A	L	C	V	I	W	T	N	S
Rcd28	I	I	H	I	K	E	K	H	L	C	H	A	K	L	L	F	W	P	L	V	V	V	A	G	V	L	L	C	V	G	L	L	V	T	V	T	L	C	I	W	T	N	S
hcd28	I	I	H	V	K	G	K	H	L	C	P	S	P	L	F	W	P	L	V	V	V	G	G	V	L	A	C	V	S	L	L	V	T	V	A	F	I	F	W	V	R	S	
hcd28	V	I	H	V	R	E	T	P	I			Q	T	Q	E	P	E	S	A	T	S	Y	W	T	G	L	L	G	F	V	S	M	L	T	A	V	F	I	Y	R	Q	K	S

101
tctla4
Auctla4
Mcd28
Rcd28
tcd28
t₁-hcd28

Figure 17

FIGURE 18

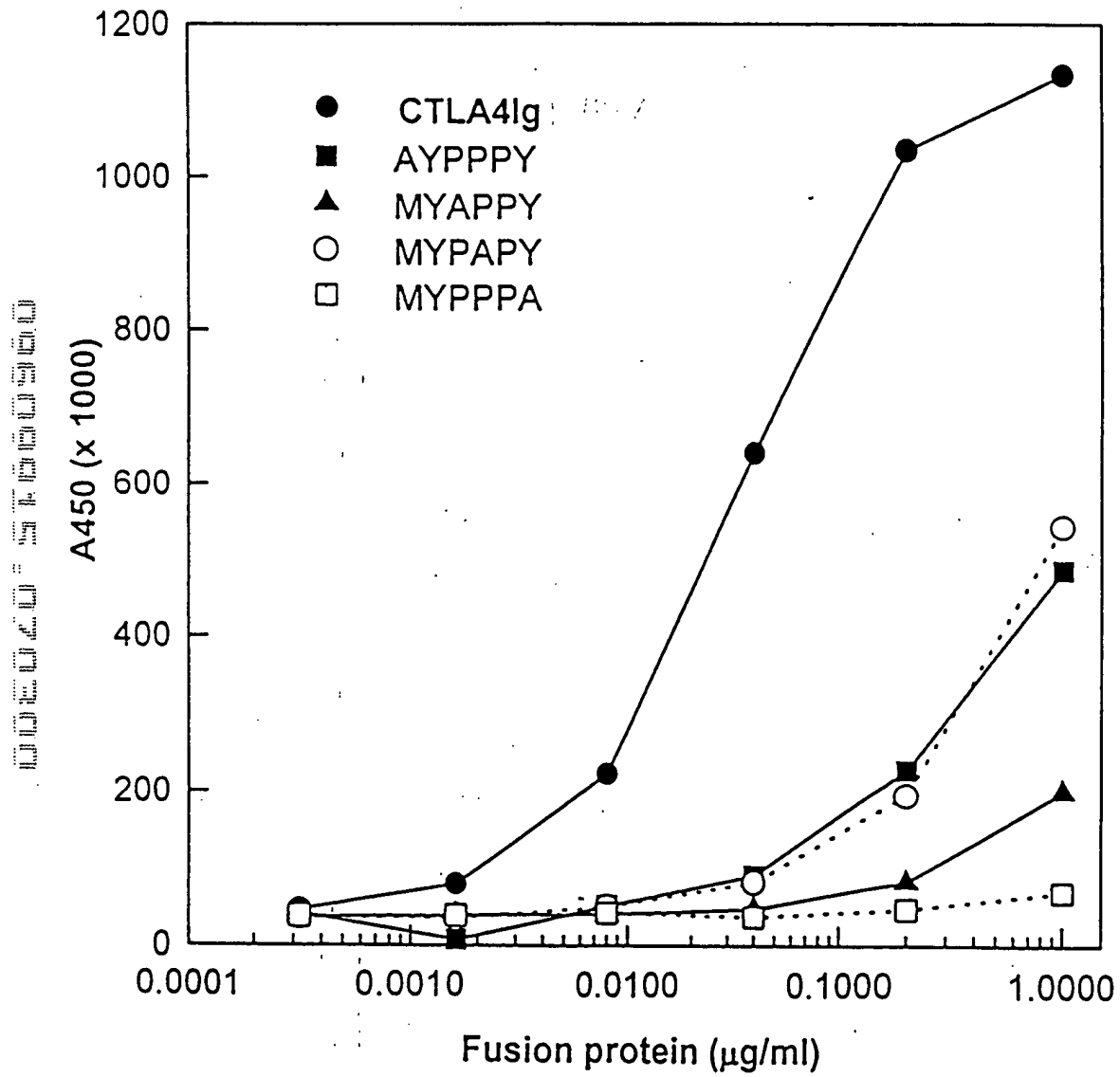


FIGURE 19

% B7
Binding Activity

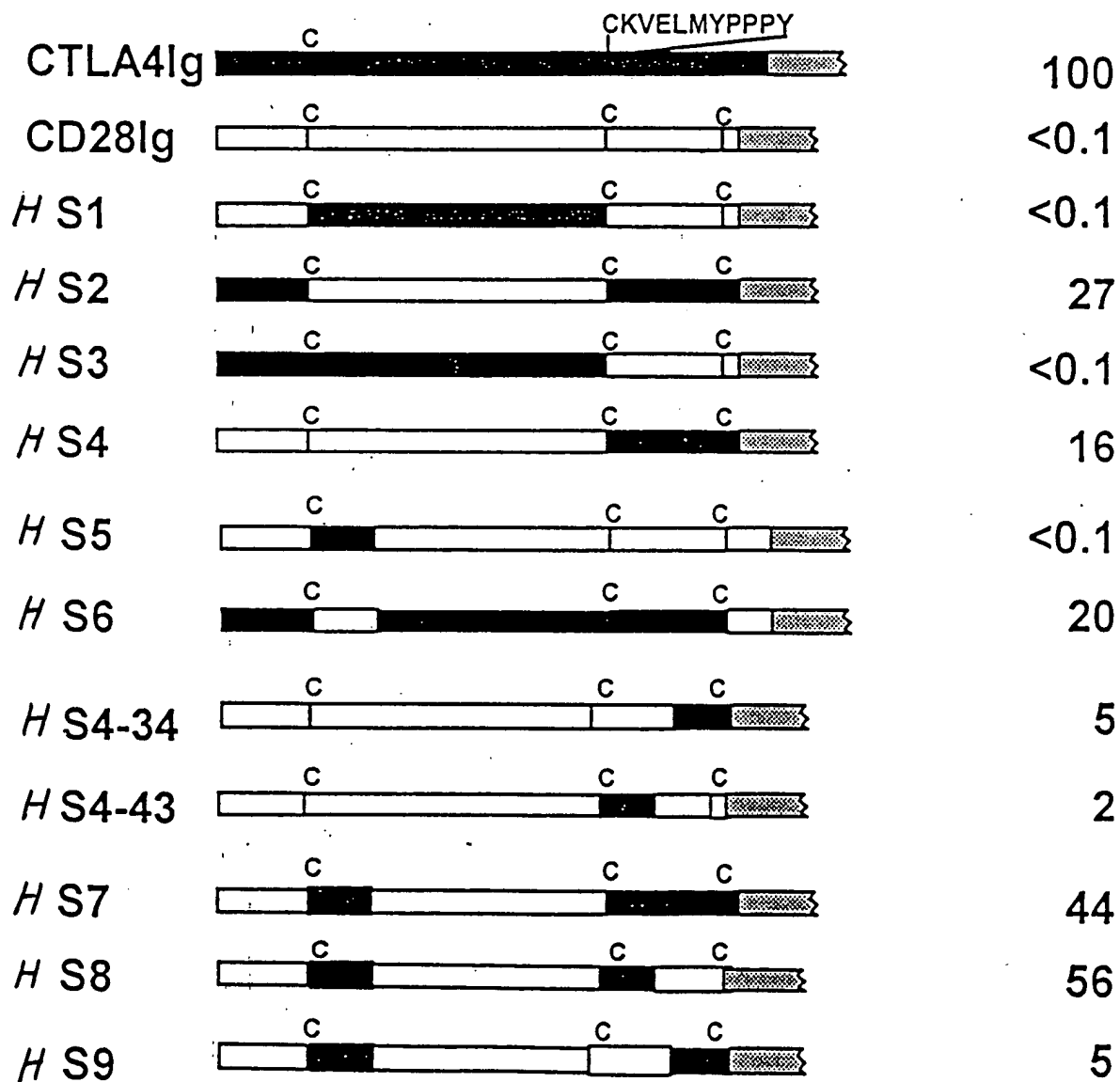


FIGURE 20(a)

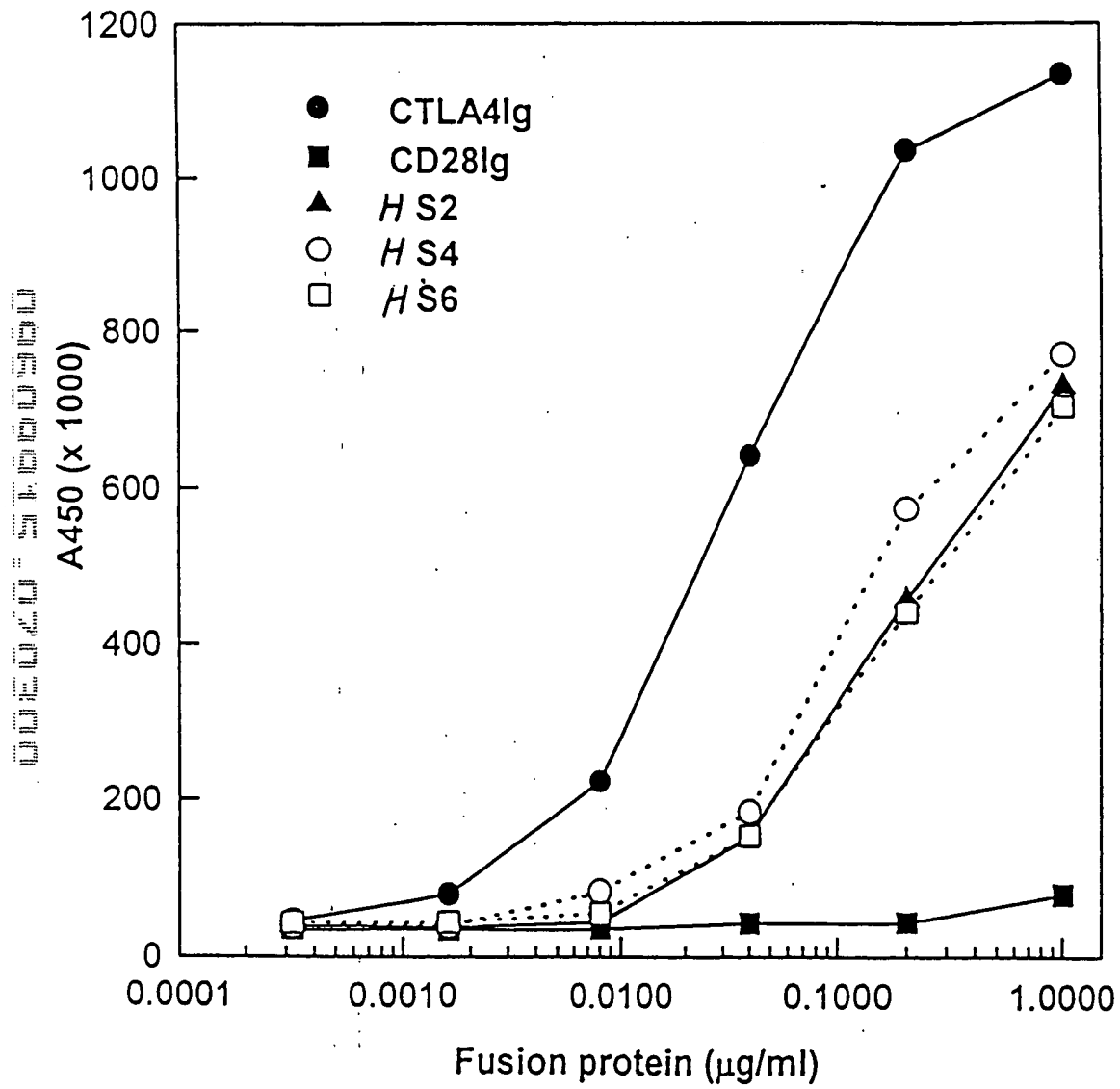


FIGURE 20(b)

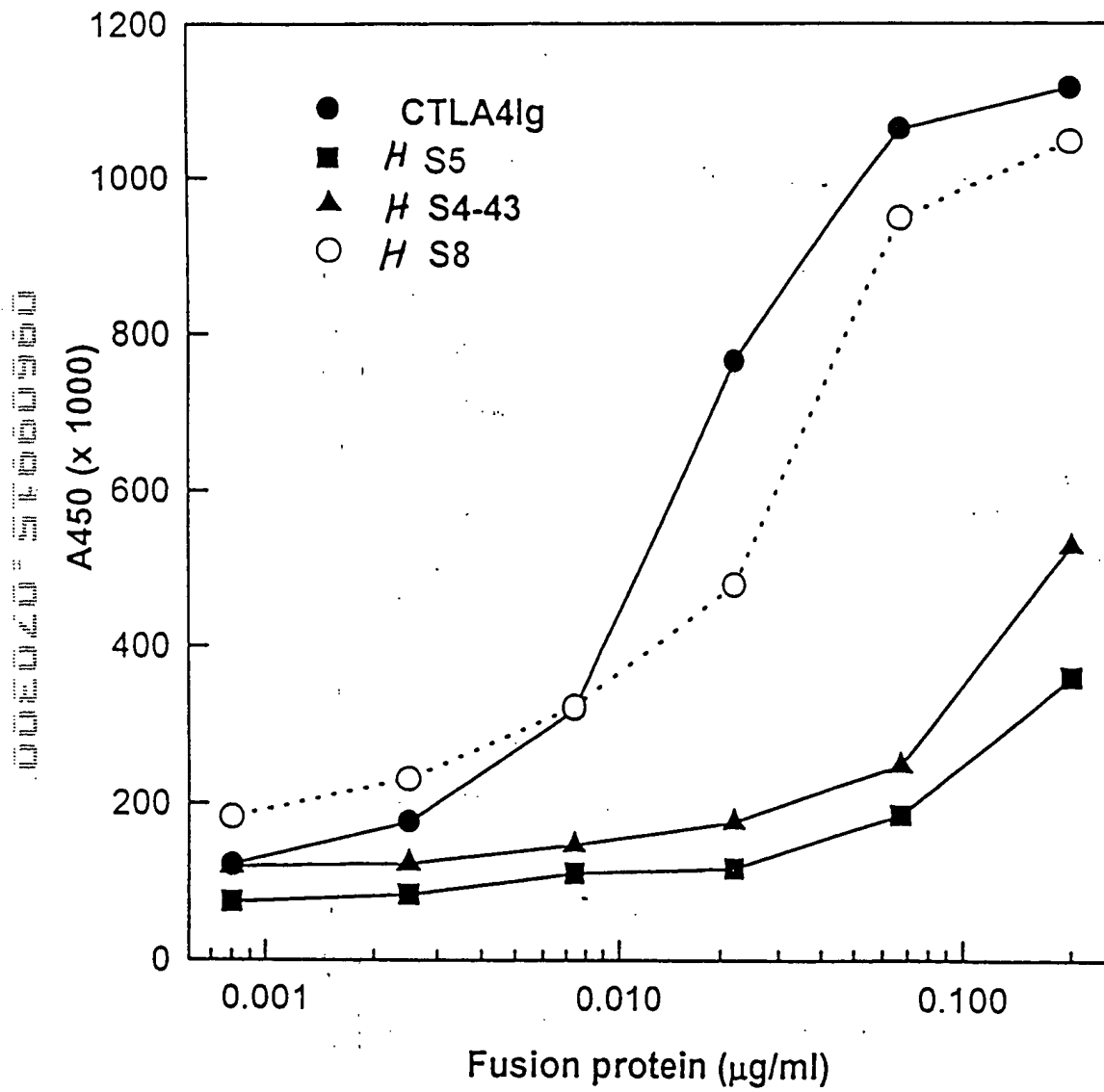
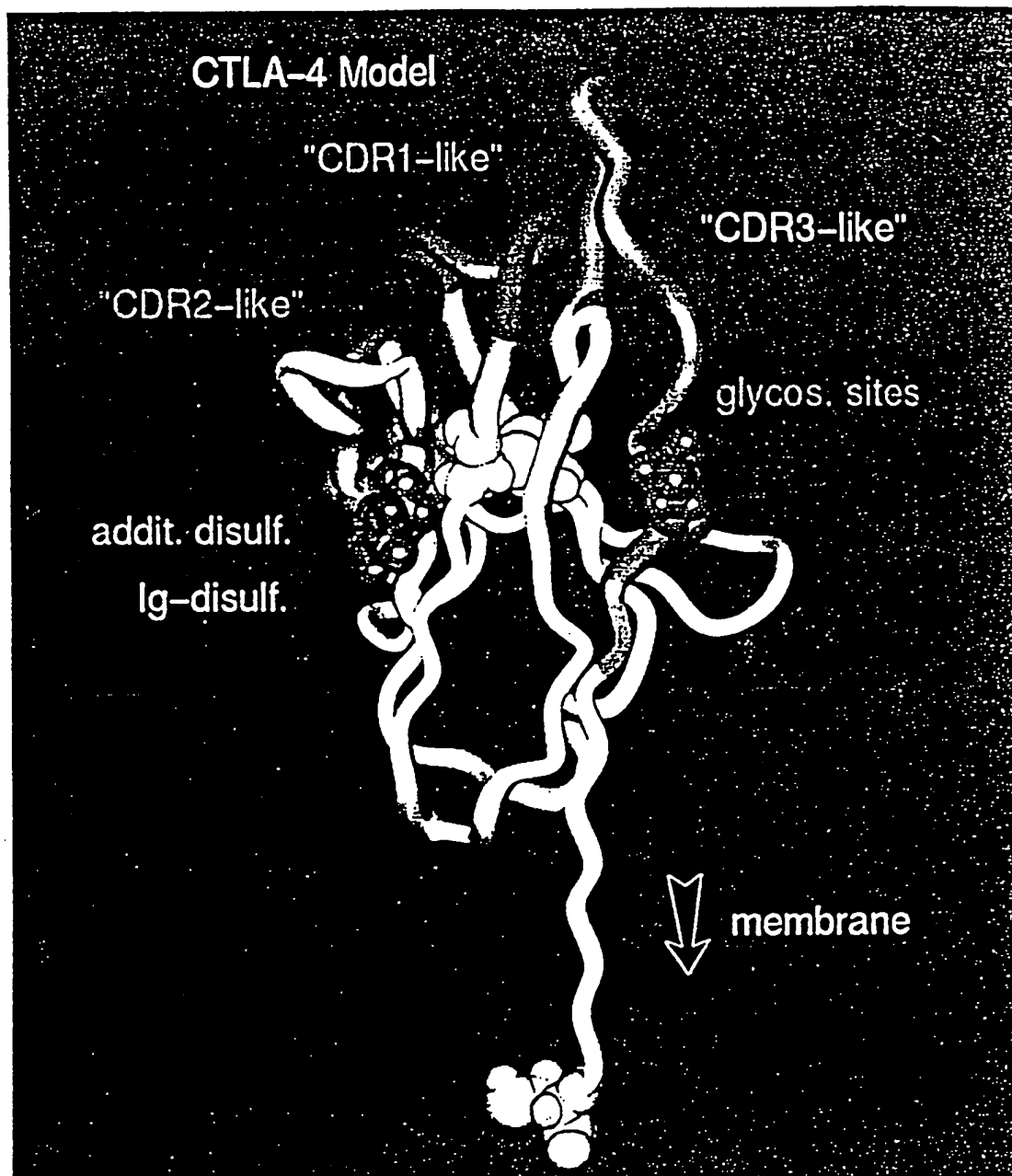


FIGURE 21



nvale
-78

[illegible]

amino acid
-26
Nucleotide
-78

ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAOTCTGGTCTTGCACCTCCTGTTTCCA
 (M) G V L L T Q R T L L S L V L A L L F P
 AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCAGCCTGCTGTGGTACTGCCAGCAGCCGA
 S M A S M A M H V A Q P A V V L A S S R
 GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAAGCCACTGAGGTCCGGGTG
 G I A S F V C E Y A S P G K A T E V R V
 ACAGTGCTTCGGCAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG
 T V L R Q A D S Q V T E V C A A T Y M M
 GGAATGAGTTGACCTTCCTAGATGATTCCATCTGCACGGGCACCTCCAGTGGAATCAA
 G N E L T F L D D S I C T G T S S G N Q
 GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG
 V N L T I Q G L R A M D T G L Y I C K V
 GAGCTCATGTACCCACCCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTTATGTA
 E L M Y P P P Y Y E G I G N G T Q I Y V
 ATTGATCCAGAACCGTGCCCGAGATTCTGATCAAGAGCCCAAATCTTCTGACAAAACCTCAC
 I D P B P C P D S D Q E P K S S D K T H
 ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACCTCCTGGGGGATCGTCAOTCTTCTCTTCCCC
 T S P P S P A P E L L G G S S V F L F P
 CCAAAACCCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTG
 P K P K D T L M I S R T P B V T C V V V
 GACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGACGGCGTGGAGGTG
 D V S H E D P B V K F N W Y V D G V E V
 CATAATGCCAAGACAAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCAGCTACCGTGTGGTCAGC
 H N A K T K P R E E Q Y N S T Y R V V S
 GTCTCACCCTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTCAAGGTCTCC
 V L T V L H Q D W L N G K E Y K C K V S
 AACAAAGCCCTCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
 N K A L P A P I E K T I S K A K G Q P R
 GAACACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTACAGC
 E P Q V Y T L P P S R D E L T K N Q V S
 CTGACCTGCTGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT
 L T C L V K G F Y P S D I A V E W E S N
 GGGCAGCCGGAGAACCACTACAAGACCACGCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCTCTC
 G Q P E N N Y K T T P P V L D S D G S F
 TTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
 F L Y S K L T V D K S R W Q Q G N V F S
 TGCTCCGTGATGATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
 C S V M H E A L H N K Y T Q K S L S L S
 CCGGGTAAATGA
 P G K

Figure 23

Amino acid
-26
nucleotide
-78



ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAGTCTGGTCTTGCCTCTCTGTTTCCA
 (M) G V L L T Q R T L L S L V L A L L F P
 +1
 AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCAGCCTGCTGTGGTACTGGCCAGCAGCCGA
 S M A S M A (M) H V A Q P A V V L A S S R
 NRCI 54 +1
 GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAATATACTGAGGTCCGGGTG
 G I A S F V C E Y A S P G K Y T E V R V
 ACAGTGTCTCGGAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG
 T V L R Q A D S Q V T E V C A A T Y M M
 GGAATGAGTTGACCTTCTTAGATGATTCCATCTOCACGGGCACCTCCAGTGGAAATCAA
 G N E L T F L D D S I C T G T S S G N Q
 GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG
 V N L T I Q G L R A M D T G L Y I C K V
 GAGCTCATGTACCCACCGCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTTATGTA
 E L M Y P P P Y Y E G I G N G T Q I Y V
 ATTGATCCAGAACCGTGCCCGAGATTCTGATCAGGAGCCCAAATCTTCTGACAAAACCTCAC
 I D P E P C P D S D Q E P K S S D K T H
 ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGATCGTCAGTCTTCTCTTCCCC
 T S P P S P A P E L L G G S S V F L F P
 CCAAACCCCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGAACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTG
 P K P K D T L M I S R T P E V T C V V V
 GACGTGAGCCACGAAGACCCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
 D V S H E D P E V K F N W Y V D G V E V
 CATAATGCCAAGACAAAGCCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGC
 H N A K T K P R E E Q Y N S T Y R V V S
 GTCCTCACCGTCTGCAACGAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGAAGGTCTCC
 V L T V L H Q D W L N G K E Y K C K V S
 AACAAAGCCCTCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
 N K A L P A P I E K T I S K A K G Q P R
 GAACCACAGGTGTACACCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTACGC
 E P Q V Y T L P S R D E L T K N Q V S
 CTGACCTGCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT
 L T C L V K G F Y P S D I A V E W E S N
 GGGCAGCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTC
 G Q P E N N Y K T T P P V L D S D G S P
 TTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
 F L Y S K L T V D K S R W Q Q G N V F S
 TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
 C S V M H E A L H N H Y T Q X S L S L S
 CCGGTAAATGA
 P G K

Figure 24

L104E A29L Ig

ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAGTCTGGTCTTGCCTCCTGTTTCCA
M--G--V--L--L--T--Q--R--T--L--L--S--L--V--L--A--L--L--F--P--
AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCAGCCTGCTGTGGTACTGGCCAGCAGCCGA
S--M--A--S--M--A--M--H--V--A--Q--P--A--V--V--L--A--S--S--R--
GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAATTGACTGAGGTCCGGGTG
G--I--A--S--F--V--C--E--Y--A--S--P--G--K--L--T--E--V--R--V--
ACAGTGTCTCGGCAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG
T--V--L--R--Q--A--D--S--Q--V--T--E--V--C--A--A--T--Y--M--M--
GGGAATGAGTTGACCTTCCTAGATGATTCCATCTGCACGGGCACCTCCAGTGGAATCAA
G--N--E--L--T--F--L--D--D--S--I--C--T--G--T--S--S--G--N--Q--
GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG
V--N--L--T--I--Q--G--L--R--A--M--D--T--G--L--Y--I--C--K--V--
GAGCTCATGTACCCACCGCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTTATGTA
E--L--M--Y--P--P--P--Y--Y--E--G--I--G--N--G--T--Q--I--Y--V--
ATTGATCCAGAACCGTGCCAGATTCTGATCAGGAGGCCAAATCTTCTGACAAAACCTCAC
I--D--P--E--P--C--P--D--S--D--Q--E--P--K--S--S--D--K--T--H--
ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACTCCTGGGGGGATCGTCAGTCTTCCTCTTCCCC
T--S--P--P--S--P--A--P--E--L--L--G--G--S--S--V--F--L--F--P--
CCAAAACCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTCACATGCGTGGTGGTG
P--K--P--K--D--T--L--M--I--S--R--T--P--E--V--T--C--V--V--V--
GACGTGAGCCACGAAGACCTGAGGTCAAGTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
D--V--S--H--E--D--P--E--V--K--F--N--W--Y--V--D--G--V--E--V--
CATAATGCCAAGACAAAGCCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTTCAGC
H--N--A--K--T--K--P--R--E--E--Q--Y--N--S--T--Y--R--V--V--S--
GTCCTCACCGTCTGCACAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTCAAGGTCTCC
V--L--T--V--L--H--Q--D--W--L--N--G--K--E--Y--K--C--K--V--S--
AACAAAGCCCTCCAGCCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
N--K--A--L--P--A--P--I--E--K--T--I--S--K--A--K--G--Q--P--R--
GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTCAGC
E--P--Q--V--Y--T--L--P--P--S--R--D--E--L--T--K--N--Q--V--S--
CTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT
L--T--C--L--V--K--G--F--Y--P--S--D--I--A--V--E--W--E--S--N--
GGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCGTGTGGACTCCGACGGCTCCTTC
G--Q--P--E--N--N--Y--K--T--T--P--P--V--L--D--S--D--G--S--F--
TTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
F--L--Y--S--K--L--T--V--D--K--S--R--W--Q--Q--G--N--V--F--S--
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
C--S--V--M--H--E--A--L--H--N--H--Y--T--Q--K--S--L--S--L--S--
CCGGGTAAATGA-----
P--G--K--*-----

Figure 25

L104E A29T Ig

1

ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAGTCTGGTCCTTGCACTCCTGTTTCCA
M--G--V--L--L--T--Q--R--T--L--L--S--L--V--L--A--L--L--F--P--
AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCCAGCCTGCTGTGGTACTGGCCAGCAGCCGA
S--M--A--S--M--A--M--H--V--A--Q--P--A--V--V--L--A--S--S--R--
GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAACTACTGAGOTCCGGGTG
G--I--A--S--F--V--C--E--Y--A--S--P--G--K--T--T--E--V--R--V--
ACAGTGCTTCGGCAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG
T--V--L--R--Q--A--D--S--Q--V--T--E--V--C--A--A--T--Y--M--M--
GGGAATGAGTTGACCTTCCTAGATGATTCCATCTGCACGGGCACCTCCAGTGGAATCAA
G--N--E--L--T--F--L--D--D--S--I--C--T--G--T--S--S--G--N--Q--
GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG
V--N--L--T--I--Q--G--L--R--A--M--D--T--G--L--Y--I--C--K--V--
GAGCTCATGTACCCACCGCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTATGTA
E--L--M--Y--P--P--P--Y--Y--E--G--I--G--N--G--T--Q--I--Y--V--
ATTGATCCAGAACCGTGCCAGATTCTGATCAGGAGCCCAAATCTTCTGACAAAACCTCAC
I--D--P--B--P--C--P--D--S--D--Q--B--P--K--S--S--D--K--T--H--
ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACCTCCTGGGGGGATCGTCAGTCTTCCTCTCCCC
T--S--P--P--S--P--A--P--E--L--L--G--G--S--S--V--F--L--F--P--
CCAAAACCCAAGGACACCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTG
P--K--P--K--D--T--L--M--I--S--R--T--P--E--V--T--C--V--V--V--
GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
D--V--S--H--E--D--P--E--V--K--F--N--W--Y--V--D--G--V--E--V--
CATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGC
H--N--A--K--T--K--P--R--E--B--Q--Y--N--S--T--Y--R--V--V--S--
GTCCTCACCGTCTGTCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTCAAGGTCTCC
V--L--T--V--L--H--Q--D--W--L--N--G--K--E--Y--K--C--K--V--S--
AACAAAGCCCTCCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
N--K--A--L--P--A--P--I--E--K--T--I--S--K--A--K--G--Q--P--R--
GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCATCCCGGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTACAGC
E--P--Q--V--Y--T--L--P--P--S--R--D--B--L--T--K--N--Q--V--S--
CTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT
L--T--C--L--V--K--G--F--Y--P--S--D--I--A--V--E--W--E--S--N--
GGCAGCCCGGAGAACAACTACAAGACCACGCCCTCCCGTGGTGGACTCCGACGGCTCCTTC
G--Q--P--E--N--N--Y--K--T--T--P--P--V--L--D--S--D--G--S--F--
TTCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
F--L--Y--S--K--L--T--V--D--K--S--R--W--Q--Q--G--N--V--F--S--
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
C--S--V--M--H--E--A--L--H--N--H--Y--T--Q--K--S--L--S--L--S--
CCGGGTAAATGA-----
P--G--K--*-----

Figure 26

L104EA29W I9

ATGGGTGTACTGCTCACACAGAGGACGCTGCTCAGTCTGGTCCTTGCACCTCCTGTTTCCA
M--G--V--L--L--T--Q--R--T--L--L--S--L--V--L--A--L--L--F--P--
AGCATGGCGAGCATGGCAATGCACGTGGCCCCAGCCTGCTGTGGTACTGGCCAGCAGCCGA
S--M--A--S--M--A--M--H--V--A--Q--P--A--V--V--L--A--S--S--R--
GGCATCGCTAGCTTTGTGTGTGAGTATGCATCTCCAGGCAAATGGACTGAGGTCCGGGTG
G--I--A--S--F--V--C--E--Y--A--S--P--G--K--W--T--E--V--R--V--
ACAGTGCTTCGGCAGGCTGACAGCCAGGTGACTGAAGTCTGTGCGGCAACCTACATGATG
T--V--L--R--Q--A--D--S--Q--V--T--E--V--C--A--A--T--Y--M--M--
GGGAATGAGTTGACCTTCCTAGATGATTCATCTGCACGGGCACCTCCAGTGGAAATCAA
G--N--B--L--T--P--L--D--D--S--I--C--T--G--T--S--S--G--N--Q--
GTGAACCTCACTATCCAAGGACTGAGGGCCATGGACACGGGACTCTACATCTGCAAGGTG
V--N--L--T--I--Q--G--L--R--A--M--D--T--G--L--Y--I--C--K--V--
GAGCTCATGTACCCACCGCCATACTACGAGGGCATAGGCAACGGAACCCAGATTTATGTA
E--L--M--Y--P--P--P--Y--Y--E--G--I--G--N--G--T--Q--I--Y--V--
ATTGATCCAGAACCGTGCCAGATTCTGATCAGGAGCCCCAAATCTTCTGACAAAACCTCAC
I--D--P--E--P--C--P--D--S--D--Q--E--P--K--S--S--D--K--T--H--
ACATCCCCACCGTCCCCAGCACCTGAACCTCCTGGGGGGATCGTCAGTCTTCTCTTCCCC
T--S--P--P--S--P--A--P--E--L--L--G--G--S--S--V--F--L--P--P--
CCAAAACCCAAGGACACCCCTCATGATCTCCCGGACCCCTGAGGTACATGCGTGGTGGTG
P--K--P--K--D--T--L--M--I--S--R--T--P--E--V--T--C--V--V--V--
GACGTGAGCCACGAAGACCCTGAGGTCAAGTTCAACTGGTACGTGGACGGCGTGGAGGTG
D--V--S--H--E--D--P--E--V--K--F--N--W--Y--V--D--G--V--E--V--
CATAATGCCAAGACAAAGCCGCGGGAGGAGCAGTACAACAGCACGTACCGTGTGGTCAGC
H--N--A--K--T--K--P--R--E--E--Q--Y--N--S--T--Y--R--V--V--S--
GTCTCACCCTCCTGCACCAGGACTGGCTGAATGGCAAGGAGTACAAGTGCAAGGTCTCC
V--L--T--V--L--H--Q--D--W--L--N--G--K--E--Y--K--C--K--V--S--
AACAAAGCCCTCCCAGCCCCATCGAGAAAACCATCTCCAAGCCAAAGGGCAGCCCCGA
N--K--A--L--P--A--P--I--E--K--T--I--S--K--A--K--G--Q--P--R--
GAACCACAGGTGTACACCCTGCCCCCATCCCGGGATGAGCTGACCAAGAACCAGGTACGC
E--P--Q--V--Y--T--L--P--P--S--R--D--E--L--T--R--N--Q--V--S--
CTGACCTGCCTGGTCAAAGGCTTCTATCCCAGCGACATCGCCGTGGAGTGGGAGAGCAAT
L--T--C--L--V--K--G--F--Y--P--S--D--I--A--V--E--W--E--S--N--
GGGCAGCCGGAGAACAACCTACAAGACCACGCCTCCCCTGCTGGACTCCGACGGCTCCTTC
G--Q--P--E--N--N--Y--K--T--T--P--P--V--L--D--S--D--G--S--F--
TTCCTCTACAGCAAGCTCACCGTGGACAAGAGCAGGTGGCAGCAGGGGAACGTCTTCTCA
F--L--Y--S--K--L--T--V--D--K--S--R--W--Q--Q--G--N--V--P--S--
TGCTCCGTGATGCATGAGGCTCTGCACAACCACTACACGCAGAAGAGCCTCTCCCTGTCT
C--S--V--M--H--E--A--L--H--N--H--Y--T--Q--K--S--L--S--L--S--
CCGGGTAAATGA-----
P--G--K--+

Figure 27

5



5

5

Fig. 29A

Human CD80 CHO cells

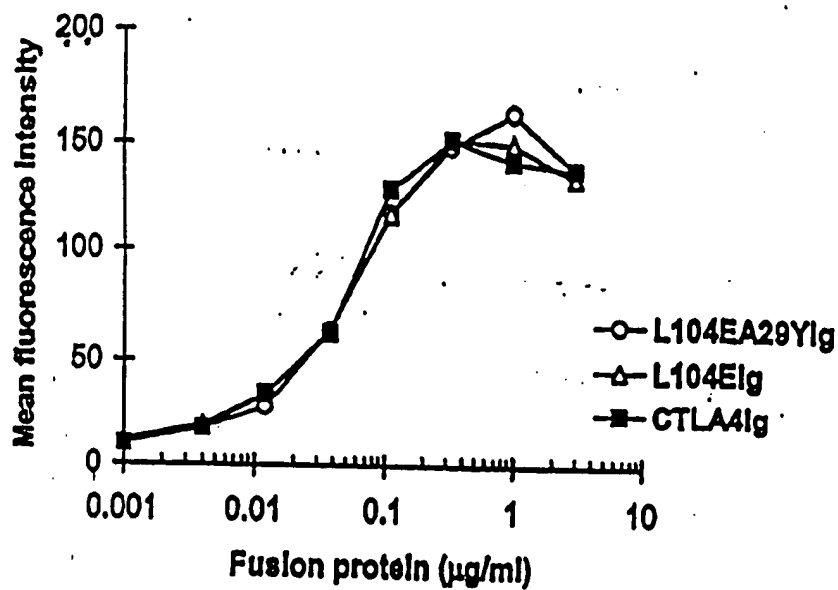


Fig. 29B

Human CD86 CHO cells

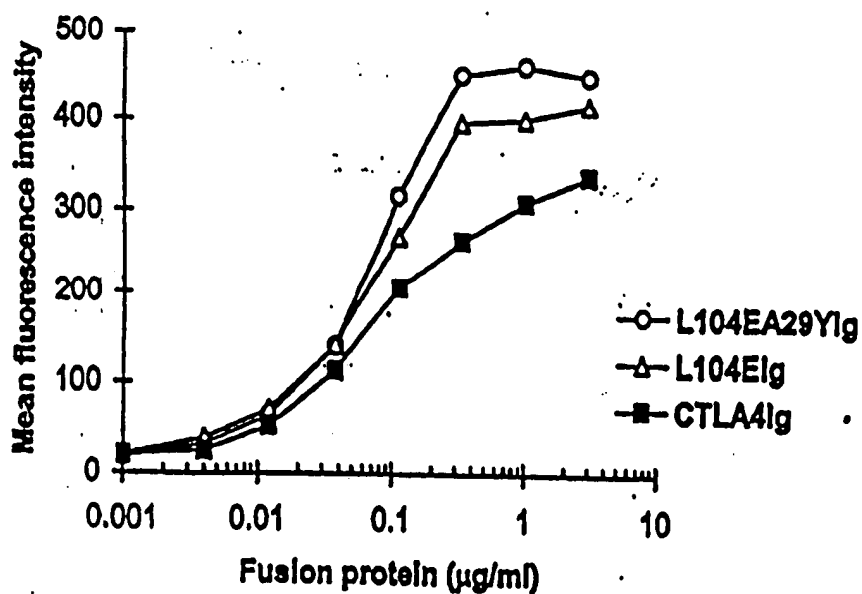


Fig. 30A CD80 CHO + PMA costimulation

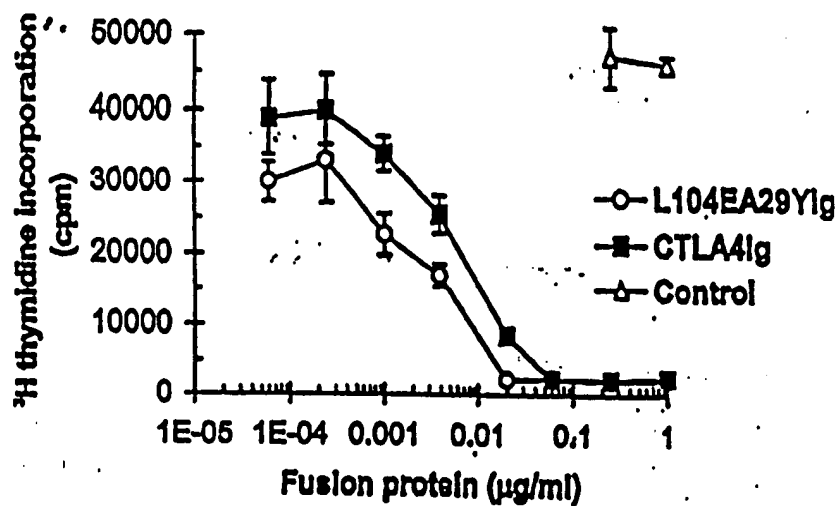


Fig. 30B CD86 CHO + PMA costimulation

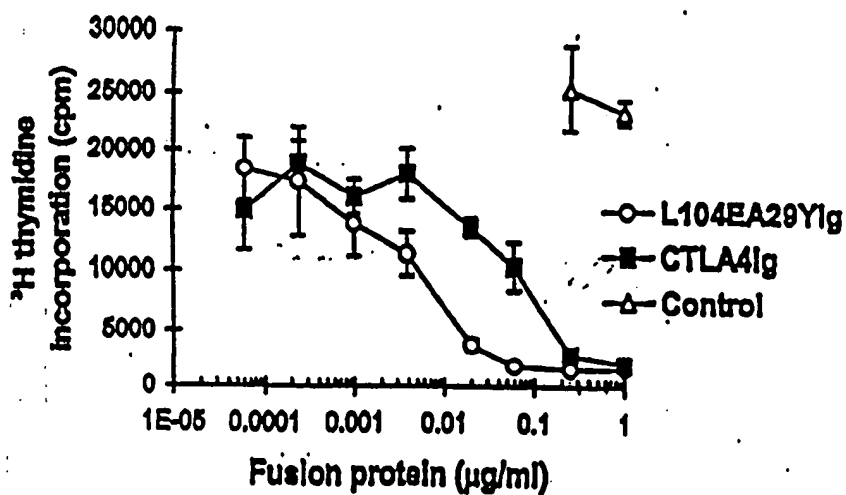


Fig. 3/ A Primary alloresponse

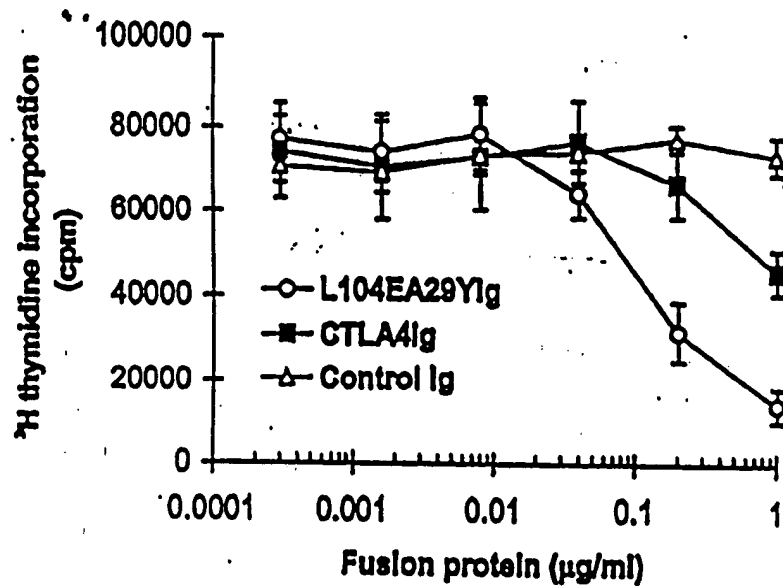


Fig. 3/ B Secondary alloresponse

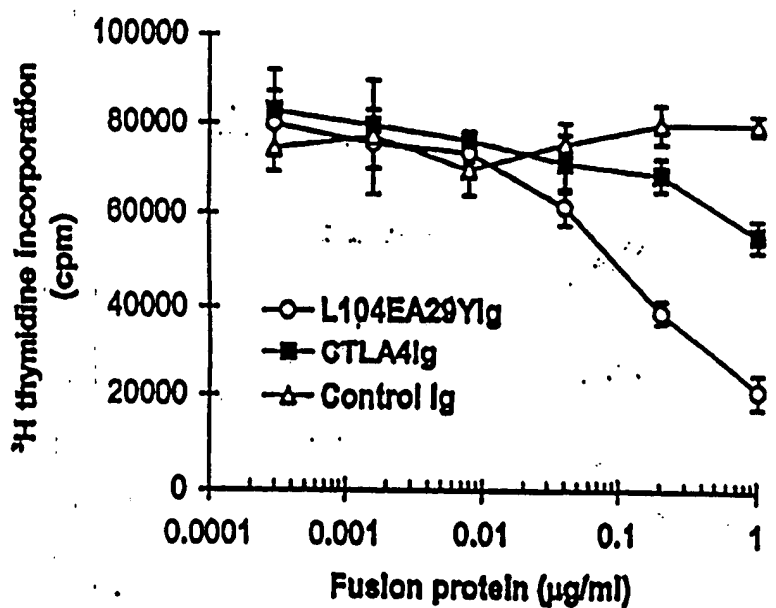


Fig. 32 A

IL-2

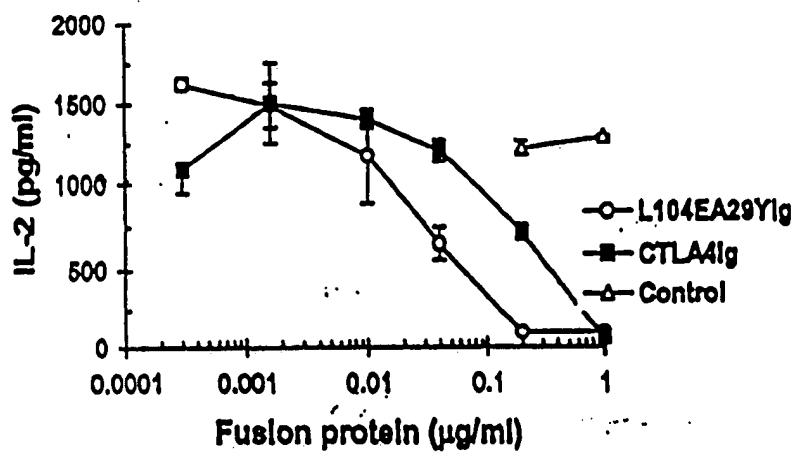


Fig. 32 B

IL-4

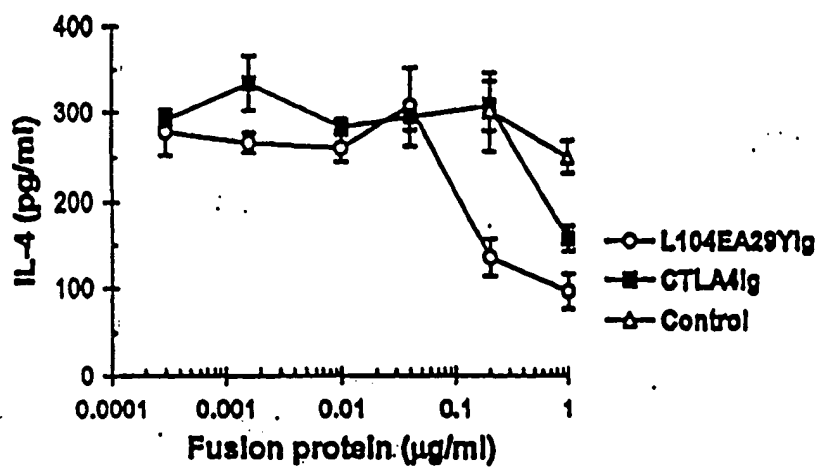


Fig. 32 C

γ-IFN.

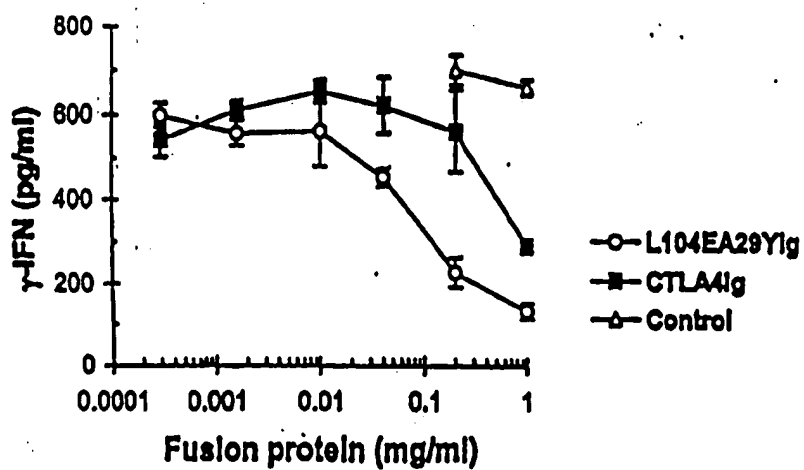


Fig. 33 Inhibition of PHA-induced monkey T cell proliferation

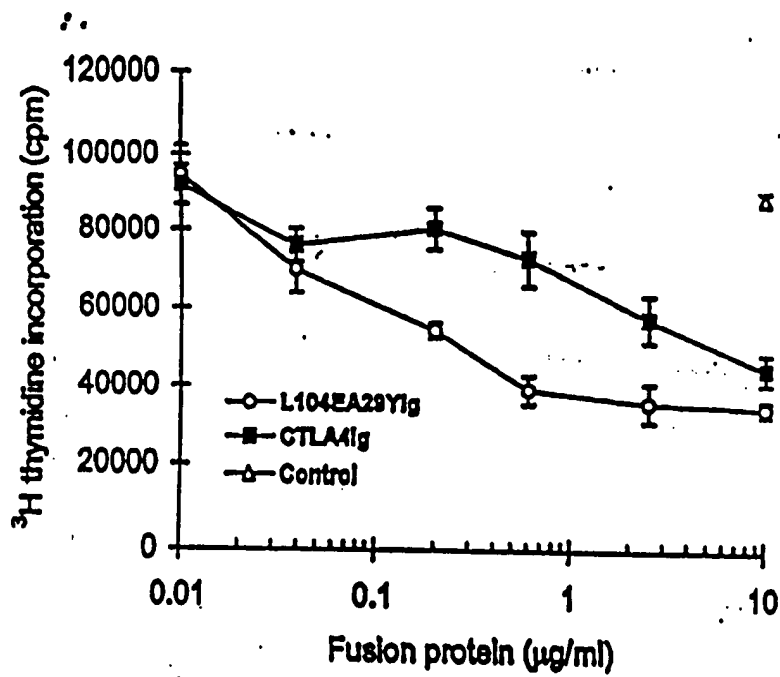


Fig 34A

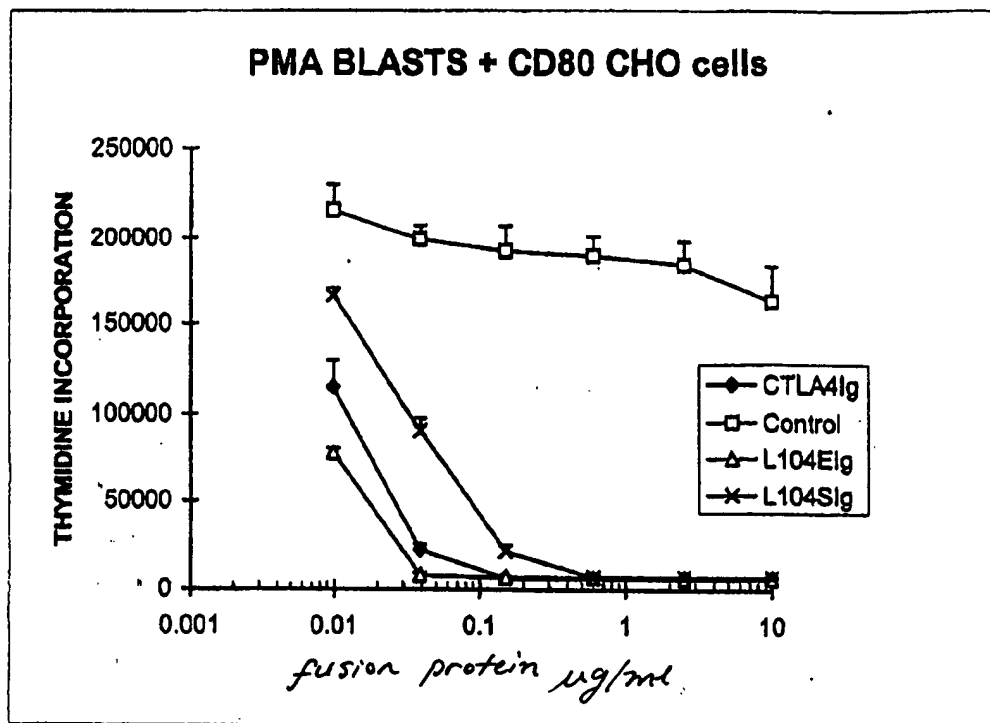


Fig. 34B

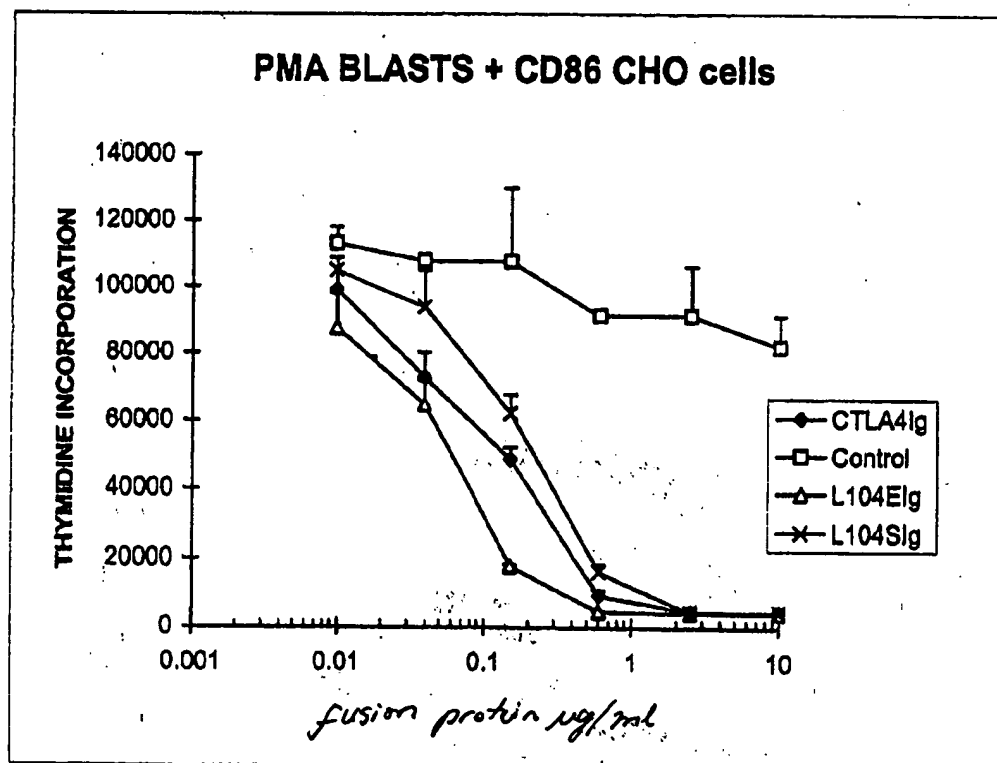


Fig. 35A

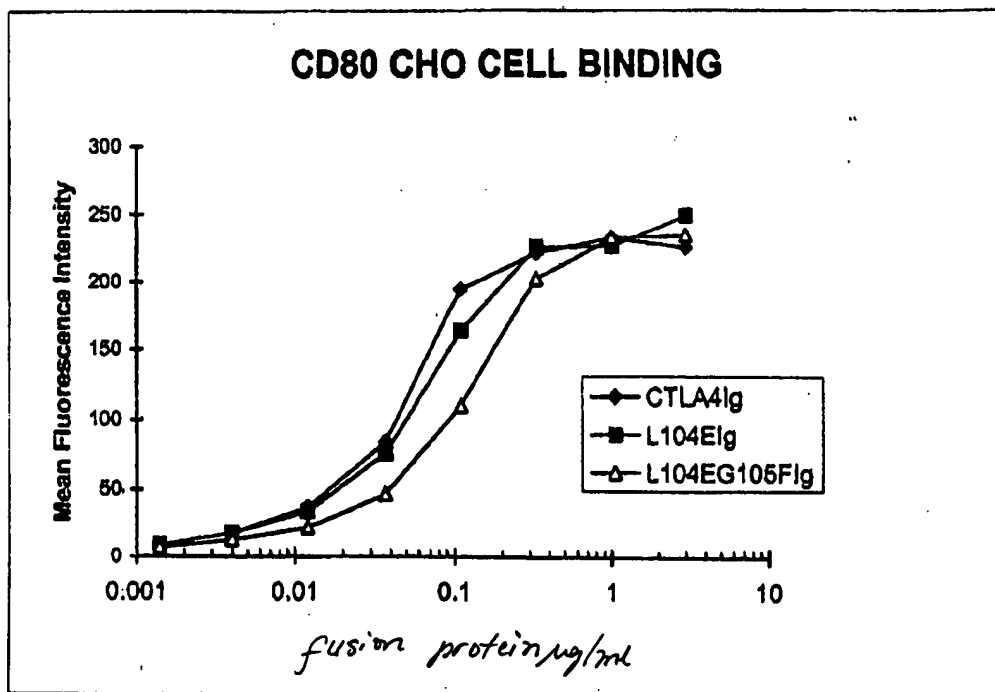


Fig. 35B

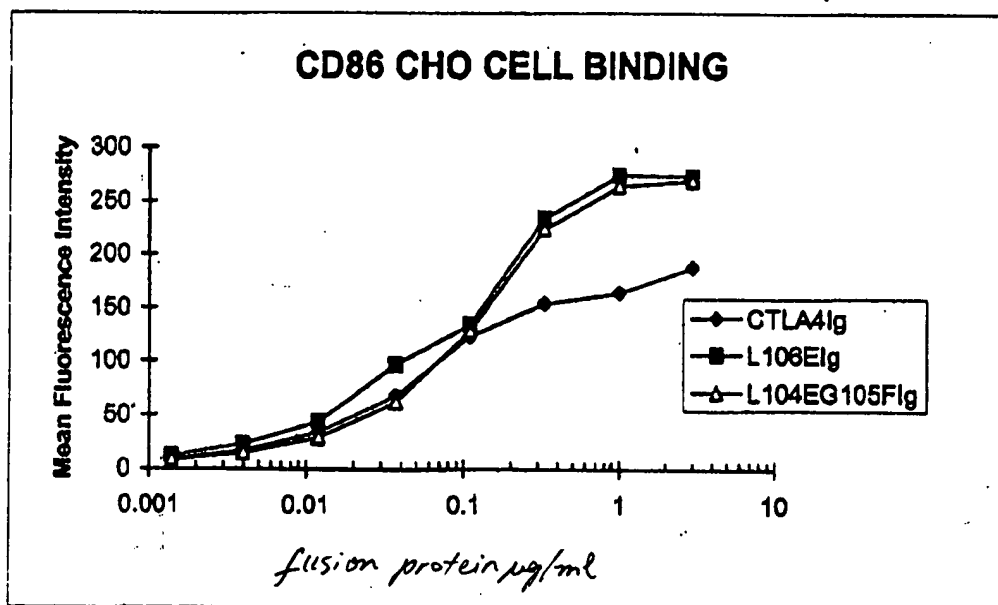


Fig 36

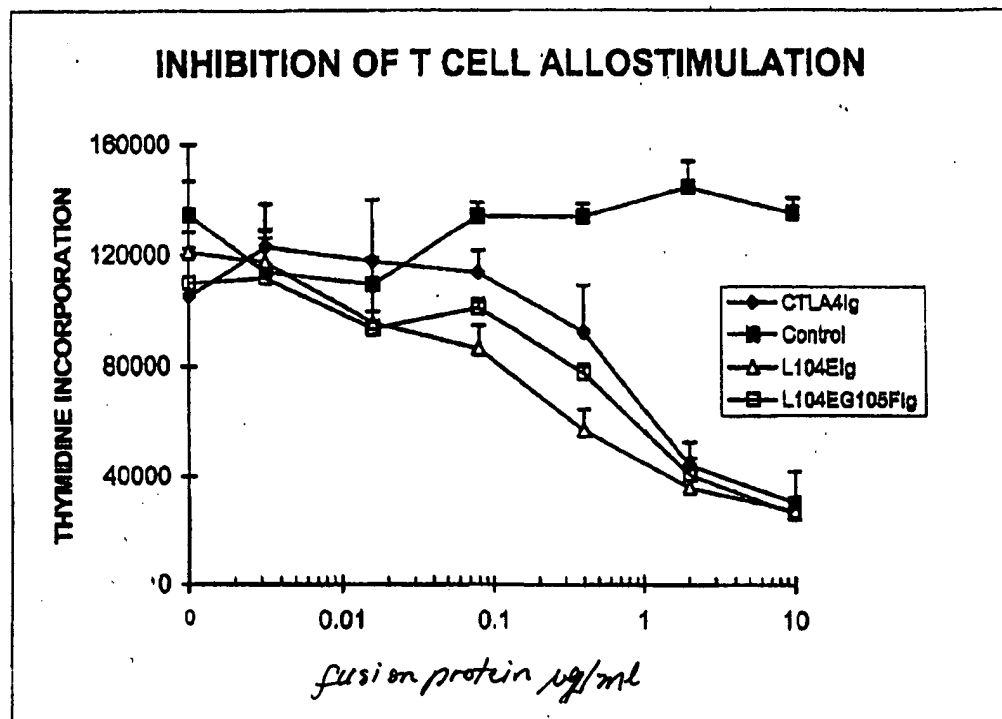


Fig 37 A

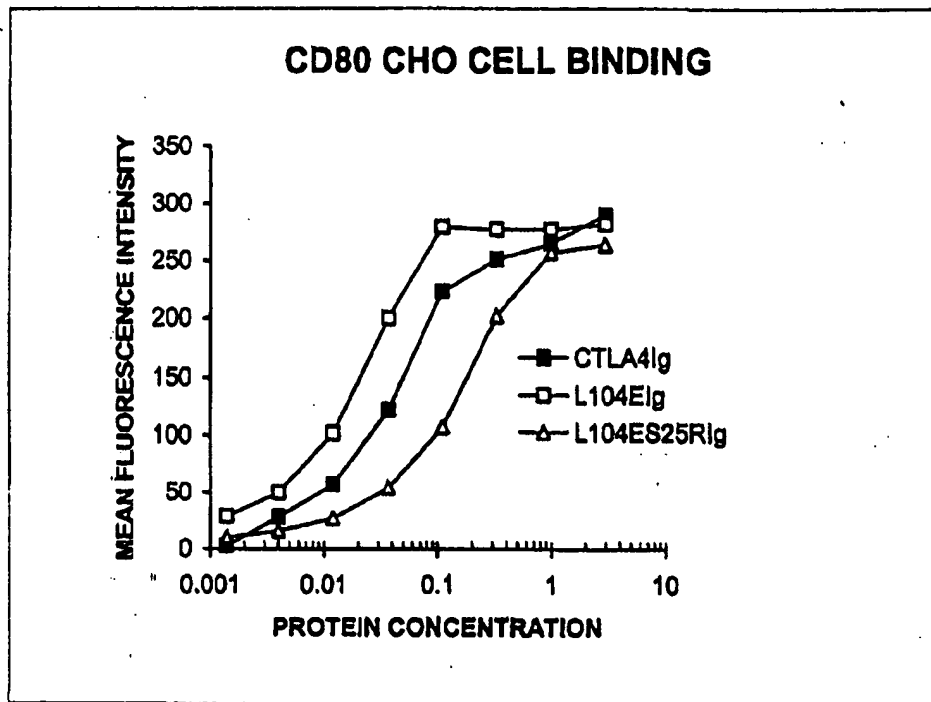


Fig. 37 B

